

## عنوان مقاله:

بررسی بیوانفورماتیک ژن های خانه دار در افتراق مایکوباکتریوم های سریع رشد

## محل انتشار:

فصلنامه پزشکی نوید نو، دوره 20، شماره 63 (سال: 1396)

تعداد صفحات اصل مقاله: 8

## نویسنده:

مسعود کیخا - دانشجوی کارشناسی ارشد. گروه میکروب شناسی پزشکی. دانشکده پزشکی. دانشگاه علوم پزشکی اصفهان. اصفهان. ایران

## خلاصه مقاله:

مقدمه: مایکوباکتریوم های سریع رشد (RGM: Rapid Growing Mycobacterium) قادر هستند عفونت های ریوی، لنفاوی، پوست و بافت نرم را در انسان به وجود آورند. ما می توانیم با استفاده از ژن های خانه دار، این گروه از باکتری ها را شناسایی کنیم. در این ارتباط، هدف از پژوهش حاضر مقایسه و ارزیابی سه ژن خانه دار در شناسایی و طبقه بندی برخی از مایکوباکتریوم های سریع رشد با استفاده از درخت فیلوژنیک بود. مواد و روش ها: برای انجام این مطالعه ابتدا توالی های سه ژن hsp65، 16SrRNA و rpoB را برای 10 گونه سریع رشد مایکوباکتریومی از پایگاه های (NCBI (National Center for Biotechnology Information)، RDP (Remote Desktop Protocol) و EMBL (European Molecular Biology Laboratory) دریافت شد. سپس این توالی ها توسط نرم افزار CustalW هم طراز گردیدند و درخت فیلوژنیک با استفاده از برنامه MEGA5 ترسیم گشت. یافته ها: بر مبنای نتایج، الگوی شناسایی و افتراق هر ژن متفاوت بود. ژن 16SrRNA قادر به شناسایی و افتراق مایکوباکتریوم های سریع رشد بیماری زایی چون مایکوباکتریوم آبسسوس (Abscessus) و چلونه (Chelonei) نبود. به طور کلی، ژن rpoB نسبت به سایر ژن ها بهتر عمل کرد؛ اگرچه قادر به شناسایی مایکوباکتریوم نووکاسترنس (novocastrense) نبود. نتیجه گیری: به منظور شناسایی کامل و صحیح مایکوباکتریوم های سریع رشد باید هر سه ژن hsp65 و rpoB به طور همزمان مورد مطالعه قرار گیرند.

## کلمات کلیدی:

بررسی فیلوژنتیکی، مایکوباکتریوم غیر توبرکلوزیس، 16, rpoB

## لینک ثابت مقاله در پایگاه سیویلیکا:

<https://civilica.com/doc/890556>

